

PD Dr. rer. medic. Martin Eisenacher, 12.5.1973

Medizinische Bioinformatik am Medizinischen Proteom-Center
Medizinische Fakultät
&
Medizinische Proteom-Analyse
Zentrum für Proteindiagnostik (PRODI)

Ruhr-Universität Bochum
Gebäude ProDi, Raum E2.269, Gesundheitscampus 4
Telefon: +49 / 234 / 32 - 18104
Email: martin.eisenacher@rub.de
Webpage: <http://www.ruhr-uni-bochum.de/mpc/>

WISSENSCHAFTLICHER WERDEGANG

- seit 01/2015 Leiter des Forschungsbereichs "Medizinische Bioinformatik" am Medizinischen Proteom-Center, RUB
Personalverantwortung für PostDocs, Doktoranden, Master- / Bachelor-Studenten, technisches Personal

- seit 05/2014 Konsortium-Sprecher und Projektleiter mehrerer laufender Drittmittelprojekte, gefördert von BMBF, Forschungsministerium NRW, Deutsche Gesetzliche Unfallversicherung (DGUV);
Konsortium-Sprecher des Service-Centers "Bioinformatik der Proteomik – BioInfra.Prot" im BMBF-geförderten "Deutschen Netzwerk für Bioinformatik-Infrastruktur – de.NBI"

- 06/2014 Habilitation, Medizinische Fakultät, RUB
Kumulative Habilitationsschrift: „Standard-Datenformate, Algorithmen und Auswertestrategien für die Bioinformatik der Proteomik“
Habitationskolloquium vor dem Fakultätsrat: „Big data – Chancen und Risiken für die personalisierte Medizin“

- seit 05/2006 Projektleitung und Koordination mehrerer abgeschlossener Drittmittelprojekte, gefördert von EU, BMBF, Forschungsministerium NRW, Deutsche Gesetzliche Unfallversicherung (DGUV), Cluster Industrielle Biotechnologie (CLIB), Medizinische Fakultät RUB (FoRUM)

- 03/2012 – Gruppenleiter der Arbeitsgruppe „Bioinformatik / Biostatistik“ am Medizinischen
12/2014 Proteom-Center, RUB
Personalverantwortung für PostDocs, Doktoranden, Master- / Bachelor-Studenten, technisches Personal

- 02/2012 PostDoc am Medizinischen Proteom-Center, Ruhr-Universität Bochum (RUB)

- 10/2000 – Promotionsstudium an der Medizinischen Fakultät, Westfälische Wilhelms-Universität
05/2005 Münster
Dissertation: „Intensitätsbasierte Qualitätskontrolle und Skalierung von Genexpressionsdaten“

- 10/1992 – Studium der Informatik, Universität Dortmund
09/1998 Abschluss: Diplom in Informatik (mit Auszeichnung)

BERUFLICHE FUNKTIONEN – WISSENSCHAFTLICHE AKTIVITÄTEN

- 03/2018 – Mitglied der Ethikkommission der Medizinischen Fakultät der RUB
04/2019
- 06/2017 – Dezentraler Koordinator für IT-Sicherheit und Datenschutz der Medizinischen Fakultät,
01 / 2020 RUB
- 09/2016 Ausrichtung, Organisation und Dozent der de.NBI Summer School „From Big Data to Big Insights - Computational Methods for the analysis and interpretation of mass-spectrometric high-throughput data“, Leibniz-Zentrum für Informatik, Castle Dagstuhl, Germany
- seit 05/2016 Mitglied der IT.Services-Nutzervertretung für die Medizinische Fakultät, RUB
- seit 2015 Gutachter für Konferenzen und Förderinstitutionen, z.B. Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG), German Conference for Bioinformatics (GCB), French Institute of Bioinformatics (IFB)
- seit 12/2014 Editor der *Proteomics Standards Initiative (PSI)* der *Human Proteome Organization (HUPO)*: Durchführung des Review-Prozesses (*PSI document process*) für vorgeschlagene Standardisierungsdokumente
- seit 2012 Mitglied des Editorial Board der Fachzeitschrift *BBA – Proteins and Proteomics*
- seit 2006 Gutachter für Fachzeitschriften, z.B. *Bioinformatics*, *BMC Bioinformatics*, *Molecular and Cellular Proteomics*, *Proteomics*, *J Proteome Research*, *J Proteomics*, *BBA Proteins and Proteomics*

MITGLIEDSCHAFTEN

DGPF (Deutsche Gesellschaft für Proteomforschung)

GI (Gesellschaft für Informatik)

Gemeinsame Fachgruppe "Bioinformatik" (FaBi, www.bioinformatik.de) mehrerer Fachgesellschaften

Research Department Protein (Ruhr-Universität Bochum)

WICHTIGE PUBLIKATIONEN

1. Witzke KE, Großerueschkamp F, Jütte H, Horn M, Roghmann F, von Landenberg N, Bracht T, Kallenbach-Thieltges A, Käfferlein H, Brüning T, Schork K, **Eisenacher M**, Marcus K, Noldus J, Tannapfel A, Sitek B, Gerwert K (2019) Integrated Fourier Transform Infrared Imaging and Proteomics for Identification of a Candidate Histochemical Biomarker in Bladder Cancer. *Am J Pathol* 2019 Mar;189(3):619-631. doi: 10.1016/j.ajpath.2018.11.018. Epub 2019 Feb 12 (IF 2018: 3.8)
2. Mayer G, Quast C, Felden J, Lange M, Prinz M, Pühler A, Lawerenz C, Scholz U, Glöckner FO, Müller W, Marcus K, **Eisenacher M** (2019) A generally applicable lightweight method for calculating a value structure for tools and services in bioinformatics infrastructure projects. *Brief Bioinform* 2019 Jul 19;20(4):1215-1221. doi:10.1093/bib/bbx140. (IF 2018: 9.0)
3. Hoffmann N, Rein J, Sachsenberg T, Hartler J, Haug K, Mayer G, Alka O, Dayalan S, Pearce JTM, Rocca-Serra P, Qi D, **Eisenacher M**, Perez-Riverol Y, Vizcaíno JA, Salek RM, Neumann S, Jones AR (2019) mzTab-M: A Data Standard for Sharing Quantitative Results in Mass Spectrometry Metabolomics. *Anal Chem* 2019 Mar 5;91(5):3302-3310. doi: 10.1021/acs.analchem.8b04310. Epub 2019 Feb 13 (IF 2018: 6.4)
4. Uszkoreit J, Perez-Riverol Y, Eggert B, Marcus K, **Eisenacher M** (2019) Protein Inference Using PIA Workflows and PSI Standard File Formats. *J Proteome Res* 2019 Feb 1;18(2):741-747. doi: 10.1021/acs.jproteome.8b00723. Epub 2018 Dec 5 (IF 2018: 3.8)
5. Perez-Riverol Y, Csordas A, Bai J, Bernal-Llinares M, Hewapathirana S, Kundu DJ, Inuganti A, Griss J, Mayer G, Eisenacher M, Pérez E, Uszkoreit J, Pfeuffer J, Sachsenberg T, Yilmaz S, Tiwary S, Cox J, Audain E, Walzer M, Jarnuczak AF, Ternent T, Brazma A, Vizcaíno JA (2019) The PRIDE database and related tools and resources in 2019: improving support for quantification data. *Nucleic Acids Res* 2019 Jan 8;47(D1):D442-D450. doi: 10.1093/nar/gky1106 [PMID: 30395289] (IF 2018: 11.1)

6. Turewicz M, Kohl M, Ahrens M, Mayer G, Uszkoreit J, Naboulsi W, Bracht T, Megger DA, Sitek B, Marcus K, **Eisenacher M** (2017) Biolnfra.Prot: A comprehensive proteomics workflow including data standardization, protein inference, expression analysis and data publication. *J Biotechnol*. 2017 Nov 10;261:116-125 (IF 2.6)
7. Güttsches AK, Brady S, Krause K, Maerkens A, Uszkoreit J, **Eisenacher M**, Schreiner A, Galozzi S, Mertens-Rill J, Tegenthoff M, Holton JL, Harms MB, Lloyd TE, Vorgerd M, Wehl CC, Marcus K, Kley RA (2017) Proteomics of rimmed vacuoles define new risk allele in inclusion body myositis. *Ann Neurol* 2017 Feb;81(2):227-239 (IF 9.9)
8. Turewicz M, Ahrens M, May C, Marcus K, **Eisenacher M** (2016) PAA: an R/bioconductor package for biomarker discovery with protein microarrays. *Bioinformatics* 2016 May 15;32(10):1577-9 (**IF 7.3**)
9. Uszkoreit J, Maerkens A, Perez-Riverol Y, Meyer HE, Marcus K, Stephan C, Kohlbacher O, **Eisenacher M** (2015) PIA: An Intuitive Protein Inference Engine with a Web-Based User Interface. *J Proteome Res*. 2015 Jul 2;14(7):2988-97 (IF 4.2)
10. Vizcaíno JA, Deutsch EW, Wang R, Csordas A, Reisinger F, Ríos D, Dienes JA, Sun Z, Farrah T, Bandeira N, Binz PA, Xenarios I, **Eisenacher M**, Mayer G, Gatto L, Campos A, Chalkley RJ, Kraus HJ, Albar JP, Martinez-Bartolomé S, Apweiler R, Omenn GS, Martens L, Jones AR, Hermjakob H (2014) ProteomeXchange provides globally coordinated proteomics data submission and dissemination. *Nat Biotechnol* 2014 Mar 10;32(3):223-6 (IF 41.5)